

# 이인석 교수, 암·당뇨 등의 새로운 치료법 가능성 열어

‘Genome Research’지 발표, 복잡질환 조절유전자 예측방법 개발



암, 당뇨와 같은 복잡질환을 조절하는 유전자를 ‘기능유전자네트워크’ 예측모델을 이용하여 효과적으로 발굴할 수 있는 새로운 방법이 생명공학과 이인석 교수의 주도 하에 개발되었다. 이번 연구 결과는 세계 최고의 권위 있는 유전체학 전문학술지인 ‘게놈 리서치(Genome Research, IF 10.3)’誌 6월 9일자(현지시간) 온라인 판에 게재되었다.

이인석 교수의 주도 하에 유럽분자생물학연구소 레너(Lehner) 박사, 텍사스주립대 마콧(Marcotte) 박사, 캐나다 토론토대 프레이저(Fraser) 박사와의 국제 공동 연구를 통해 추진됐으며, 우리대학교 박사과정 신준하 학생도 적극 참여했다. 이번 연구는 교육과학기술부와 한국연구재단이 추진하는 ‘우수 연구센터(S/ERC)육성사업’과 ‘일반연구자지원사업’의 지원을 받아 수행되었다.

이인석 교수 연구팀은 ‘기능유전자네트워크’라는 생물정보학 기반 예측모델을 이용하여, 복잡질환의 조절유전자를 기존의 무작위 탐색법이나 지식기반예측보다 저렴하고 효율적으로 발굴할 수 있다는 사실을 꼬마선충(C. elegans)을 통해 실증하였다.

현재까지 알려진 사람의 95% 이상의 질환은 단일질환유전자에 의해 발병되는 멘델리언질환(Mendelian disease)이 아닌 다수의 질환관련 유전자가 상호작용하여 발병되는 복잡질환(Complex disease)인 것으로 알려져 있다. 대표적인 복잡질환인 암은 현재까지 300~600개의 관련 유전자들이 존재하는 것으로 알려져 있는데, 학계에서는 이들 간

의 매우 복잡한 상호작용지도를 밝히는 것이 암을 정복하는 주요한 척도로 인식되고 있다. 하지만 기존의 무작위탐색을 통해 조절유전자들 간의 상관관계 지도를 구축하는 것은 실제 불가능하다.

인간의 유전자가 총 2만개라고 가정할 때 두 유전자 간의 가능한 모든 상관관계 수는 2억개가 되고, 이를 실험 테스트하는 것은 거의 불가능하기 때문에 예측모델을 통해 선별된 후보 조절유전자들을 우선 테스트하는 접근법의 개발이 필요했다.

이번에 연구진은 기존의 조절유전자 예측방법과는 차별화된 기능유전자네트워크를 기반으로 한 예측방법을 개발했다. ‘기능유전자네트워크’는 유전자의 기능 연구에 매우 유용하게 사용되는 예측모델이다. 예를 들면, 성격이 비슷한 사람들끼리 서로 가깝게 지내듯이, 기능이 유사한 유전자들도 서로 밀접하게 관련되어 있어, 이 관련성을 지도로 만든 기능유전자네트워크를 잘 활용하면, 이미 알려진 이웃 유전자들의 기능을 통해 유전자들의 새로운 기능을 예측할 수 있다는 것이다. 이 교수팀의 예측방법은 연구대상 복잡질환의 알려진 조절유전자들의 네트워크상 이웃유전자들을 새로운 조절유전자 후보로 예측하는 것이다.

이인석 교수는 “이번 연구는 향후 인간기능유전자네트워크를 이용한 복잡질환 조절유전자들을 효과적으로 발굴하고, 암, 당뇨 등 복잡질환의 발병 메커니즘을 규명하고 치료법을 개발하는 데 새로운 가능성을 열어주었다”라고 연구 의의를 밝혔다.